**Предсказание петель в хроматине** *Dictyostelium discoideum*

***Плискин Александр, Галицына Александра***

*Dictyostelium discoideum* – клеточный слизевик, один из важных модельных организмов в биологии и генетике. Интересен тем, что большую часть времени проводит в виде одиночной амёбы, однако при определенных условиях объединяется с другими диктиостелиумами, образуя подвижные агрегаты для совместного существования в неблагоприятных условиях. Hi-C метод [1], который исследует трехмерную архитектуру целых геномов, соединяя лигирование на основе близости с массивно-параллельным секвенированием, позволяет получить одноименные карты, которые визуализируют участки генома оказывающиеся рядом, даже если они расположены далеко друг от друга на одной хромосоме или даже на разных хромосомах. По контактам на Hi-C картах можно определить петли в геноме человека [2].

Имеются Hi-C карты хроматина диктиостелиума, полученные в лаборатории С.В. Разина (ИБГ РАН) на которых вручную размечены координаты, размеры и типы петель (на хромосомах 1 и 6). На данный момент не существует программы, которая могла быть предсказать петли на Hi-C карте диктиостелиума. Задачей данной работы является разработка такой программы.

Планируется свести задачу нахождения петель на Hi-C карте к задаче распознавания образов на изображении. В качестве образов будут выступать участки с петлями, в качестве изображения - Hi-C карта. В качестве образцов будут выделены образы петель на карте, по которым имеются вручную размеченные координаты. По эти образцам планируется применить глубинное обучение с использованием свёрточных нейронных сетей R-CNN, Fast R-CNN, Faster R-CNN, Mask R-CNN [3]. Полученную нейронную сеть планируется применить для нахождения петель на других хромосомах и других картах диктиостелиума. В случае успеха подобную программу можно будет применять на Hi-C картах и других организмов.

Список литературы:

1. Lieberman-Aiden E, Comprehensive mapping of long-range interactions reveals folding principles of the human genome, 2009, Science.
2. Rao S. S. P, A 3D map of the human genome at kilobase resolution reveals principles of chromatin looping, 2014, Cell.
3. https://github.com/tensorflow/models/tree/master/research/object\_detection